



Détection des croisements de fibre en IRM de diffusion par décomposition de tenseur : Approche analytique

Thinhinane Megherbi, Mouloud Kachouane, Fatima Oulebsir Boumghar,
Rachid Deriche

► To cite this version:

Thinhinane Megherbi, Mouloud Kachouane, Fatima Oulebsir Boumghar, Rachid Deriche. Détection des croisements de fibre en IRM de diffusion par décomposition de tenseur : Approche analytique. Reconnaissance de Formes et Intelligence Artificielle (RFIA) 2014, Jun 2014, France. hal-00989135

HAL Id: hal-00989135

<https://hal.science/hal-00989135>

Submitted on 9 May 2014

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

Détection des croisements de fibre en IRM de diffusion par décomposition de tenseur : Approche analytique

T. Megherbi¹

M. Kachouane¹

F. Oulebsir Boumghar¹

R. Deriche²

¹USTHB, FEI, LRPE, ParIMed, Alger, Algérie

²Equipe-Projet Athena, Inria Sophia Antipolis-Méditerranée, France

Tina.megherbi@gmail.com

Résumé

L'IRM de diffusion (IRMd) est l'unique modalité qui permet d'explorer les structures neuronales de la substance blanche in-vivo et de manière non-invasive. La diffusion a d'abord été modélisée par le modèle du tenseur de diffusion du second ordre (DTI). Toutefois, ce modèle trouve rapidement ses limites dans les zones, nombreuses, où les fibres de la matière blanche se croisent. Pour surmonter cette limite et reconstruire les croisements de fibres, différentes approches ont été proposées telles que: l'imagerie à résonance magnétique (IRM) à haute résolution angulaire (HARDI) et les tenseurs d'ordre supérieur (HOT) ; ces méthodes permettent de reconstruire des fonctions telle que la fonction de distribution d'orientation de fibre (FOD) dont les maxima s'alignent sur les orientations des fibres multiples. Dans ce travail, on se propose d'extraire les directions des fibres caractérisées par les maxima de la fonction FOD. Pour cela, une approche analytique de décomposition de tenseur symétrique a été implémentée et efficacement adaptée pour extraire les directions des fibres avec précision. Différents résultats obtenus sur des données synthétiques et réelles illustrent l'efficacité de la méthode.

Mots Clefs

IRM de Diffusion, Tenseur de Diffusion, Décomposition de tenseur symétrique, HARDI, PARAFAC, FOD, CT-FOD.

Abstract

Diffusion MRI (dMRI) is the only technique to probe in-vivo and non-invasively fiber structure of white matter. Diffusion was first modeled using the second order diffusion tensor model (DTI). However, this model is limited in many regions where the fibers intersect. To overcome this limit, many approaches to extract and reconstruct crossing fibers were proposed, like the High Angular Resolution Diffusion Imaging (HARDI) methods and the High Order Tensor techniques, which allow to reconstruct functions like the Fibers Orientation Distribution function (FOD) whose the maxima do correspond to the directions of the multiple fibers. In this work, we are interested by extracting all the crossing fibers characterized as the maxima of (FOD). Thus, an analytical approach of high order tensor decomposition has been implemented and efficiently adapted to accurately extract all the fibers. Many experimental results obtained on synthetic and real data illustrate the effectiveness of our technique.

Keywords

Diffusion MRI, Diffusion tensor, Symmetric tensor decomposition, HARDI, PARAFAC, FOD, CT-FOD

1 Introduction

L'imagerie à résonance magnétique de diffusion (IRMd) [8] est une modalité d'imagerie à résonance magnétique (IRM). Principalement, l'IRMd capture et quantifie le mouvement libre ou contraint des molécules d'eau dans les tissus biologiques et révèle leurs propriétés de diffusion. Le cerveau contient plus de 70% d'eau qui se déplace le long des faisceaux de fibres, par conséquent, l'IRM de diffusion est particulièrement adaptée pour étudier et caractériser in vivo et, de manière non invasive, l'architecture neuronale dans la matière blanche du cerveau. Le modèle du tenseur de diffusion (DTI) introduit par Basser et al. en 1994 [1] a été la première technique utilisée pour la reconstruction des faisceaux de fibres. Le signal de diffusion brute S est donné par la relation 1.1 de Stejskal-Tanner suivante :

$$S(g) = S_0 e^{-b D(g)} \quad 1.1$$

Avec $g = [g_x, g_y, g_z]$ des vecteurs unitaires représentant les directions des vecteurs gradients pondérés par le facteur b ; g, b représentent les paramètres d'acquisition du signal S et S_0 est le signal de référence non pondéré en diffusion. $D(g)$ représente le coefficient de diffusion apparent (ADC) dans la direction g . Dans le modèle DTI, l'ADC est modélisé par une forme quadratique :

$$D(g) = g^T D g$$

Avec D un tenseur d'ordre 2 de taille 3×3 symétriques et défini positif appelé tenseur de diffusion. Ainsi, dans l'hypothèse du modèle DTI le profil de diffusion a une forme ellipsoïde ne permettant pas de modéliser des formes complexes à plusieurs orientations de diffusion. Or, c'est souvent le cas dans de nombreuses zones du cerveau humain où les faisceaux de fibres se croisent. En raison de cette hypothèse de base, la technique DTI s'avère inefficace dans le cas des croisements de fibres. Par conséquent, le résultat de la reconstruction des faisceaux de fibres par des algorithmes de tractographie basés sur le modèle DTI ne sont pas entièrement fiables. Pour surmonter les limites du DTI, de nouvelles techniques à haute résolution angulaire (HARDI) ont été proposées, telles que l'imagerie du spectre de diffusion (DSI), l'imagerie Q-ball (QBI) [6,14] ou encore les tenseurs d'ordre supérieur (HOT) [10]. Ces techniques permettent d'estimer la fonction de densité d'orientation de diffusion (ODF) décrivant la probabilité que les molécules d'eau diffusent dans une direction particulière. Ainsi les maxima de la fonction ODF

s'alignent sur les orientations des fibres sous-jacentes. Bien que le DSI permette d'estimer l'ODF réelle en prenant des mesures sur la totalité d'une grille cartésienne 3D de l'espace de diffusion, cette méthode reste impraticable en étude clinique car elle requiert un temps d'acquisition et un nombre d'échantillons important et des magnitudes de gradients élevées. Le modèle QBI permet d'approximer la fonction ODF de diffusion directement à partir du signal de diffusion HARDI acquis par un échantillonnage sphérique de l'espace de diffusion [6,14]. Même si l'ODF-QBI contient l'information angulaire, avec ses maxima alignés sur les orientations des fibres sous-jacentes, celle-ci présente une résolution angulaire limitée, en ne permettant de reconstruire correctement que les fibres qui se croisent à plus de 63° [5]. Par des techniques de déconvolution sphérique [13], il est possible de calculer à partir de l'ODF une nouvelle fonction plus aiguisée qu'est la fonction de distribution d'orientation de fibres (FOD) dont les maxima s'alignent aussi sur les directions des fibres; cette fonction présente une meilleure résolution angulaire par rapport à l'ODF de diffusion. L'ODF et la FOD sont traditionnellement décrites dans la base des harmoniques sphériques (SH). La résolution angulaire de ces fonctions dépend de l'ordre de la base SH. Une résolution angulaire fine nécessitera un ordre de la base et un nombre d'acquisitions élevé, en particulier dans un cas clinique. De plus, à des ordres élevés ces fonctions sont sujettes à des lobes négatifs dus au bruit. Les tenseurs symétriques d'ordre supérieur ou les polynômes homogènes ont été proposés pour modéliser et reconstruire la fonction FOD [15] dite CT-FOD pour *Cartesian tensor-FOD*, dont les maxima correspondent parfaitement aux directions des fibres sous-jacentes. Le CT-FOD apparaît comme une alternative à la FOD décrite dans la base SH en imposant efficacement la contrainte de positivité. En outre, grâce à sa forme polynômiale les maxima de la fonction CT-FOD peuvent facilement être localisés. L'extraction des maxima de ces fonctions est une étape de prétraitement importante et nécessaire à la tractographie. Différentes méthodes d'extraction des maxima de tenseurs d'ordre supérieur existent dans la littérature; dans [2], Bloy et Verma ont proposé de déterminer les directions des fibres en utilisant le concept des Z-eigenvalues [11]. Cette méthode souffre d'une faible résolution angulaire et ne permet de reconstruire que les croisements supérieurs à 65° [9]. La décomposition de tenseur d'ordre supérieur en tenseurs de rang 1 a également été proposée pour le problème d'extraction des maxima par Jiao et al. dans [7] en utilisant la décomposition numérique PARAFAC au rang 2. Cette méthode nécessite la connaissance du rang de décomposition, équivalent à connaître le nombre de fibres dans le voxel, ce qui est impossible a priori; aussi, PARAFAC utilise un algorithme d'optimisation (Alternating Least Square) non linéaire dont la convergence dépend des tenseurs de rang 1 d'initialisation. Toutefois, dans notre étude comparative entre la méthode PARAFAC et les autres méthodes dites traditionnelles d'extraction des maxima [9], nous avons montré que la décomposition de tenseur, si l'on connaît le rang, présente une meilleure résolution angulaire.

Dans cet article, nous nous proposons de retrouver les directions des faisceaux de fibres à partir des signaux de diffusion (signaux IRMd) par la décomposition d'un tenseur symétrique d'ordre 4. L'originalité de ce travail est l'utilisation efficace et l'adaptation dans le contexte de l'IRMd, d'une approche analytique proposée par l'équipe de B. Mourrain dans [3] pour résoudre le problème de décomposition. A l'inverse de PARAFAC, l'approche adoptée est une approche analytique qui ne se restreint pas aux rangs sous-génériques; la décomposition est dite minimale. Cette approche est particulièrement intéressante lorsqu'il s'agit de retrouver les directions des fibres car elle permet à la fois, d'avoir les directions et le nombre de faisceaux de fibres sous-jacents, sans a priori. L'approche proposée se base sur les tenseurs d'ordre supérieur, nous proposons alors, d'utiliser l'algorithme d'estimation du CT-FOD qui constitue l'état de l'art pour la reconstruction à partir d'un signal de diffusion d'un tenseur d'ordre supérieur. Au début de notre article nous détaillons d'abord l'algorithme du CT-FOD, puis nous revenons sur la méthode PARAFAC avant de décrire l'algorithme de décomposition analytique et de proposer une manière de l'appliquer au problème de recherche des directions des fibres en IRMd. Nous entamons ensuite la partie validation où nous présentons les résultats obtenus par la méthode analytique sur des données synthétiques de diffusion, ainsi qu'une comparaison avec PARAFAC et nous terminons, par l'illustration des résultats obtenus sur des données réelles et par une conclusion.

2 Estimation du tenseur d'ordre 4 à partir des données de diffusion

Le signal de diffusion $S(g_i, b_i)$ correspondant aux paramètres d'acquisition g_i, b_i est donné par la convolution de la fonction CT-FOD F , modélisée par un tenseur d'ordre supérieur cartésien symétrique et défini positif [15] de dimension 3, avec une fonction Watson Ψ :

$$S(g_i, b_i) = \int_{S_2} \Psi(g_i, b_i, v) F(v) dv \quad 2.1$$

$\Psi(g_i, b_i, v) = e^{-bD(g^T v)^2}$ le noyau de déconvolution [7, 13] avec D correspondant au coefficient de diffusivité calculé à partir d'un tenseur de diffusion d'ordre 2, que l'on estime à partir du signal de diffusion d'une fibre unique présentant un FA élevé (> 0.8), g_i le gradient de champs magnétique, b_i pour les pondérations (b-values) et v un ensemble de vecteurs unitaires qui échantillonnent l'espace de diffusion. L'algorithme 1 décrit l'estimation des coefficients uniques du tenseur symétrique FOD à partir des données de diffusion.

Algorithme 1 :

Entrée : Signal de diffusion $S(g, b)$; paramètres d'acquisition (g, b) ; vecteurs v échantillonnant la sphère unitaire.

Sortie : Les coefficients uniques du tenseur symétrique et défini positif CT-FOD.

- Modélisation de la fonction FOD par un tenseur cartésien symétrique d'ordre d et de dimension 3.

$$F(g) = \sum_{a+b+c=d} C_{a,b,c} g_1^a g_2^b g_3^c \quad 2.2$$

Avec $C_{a,b,c}$ les coefficients du tenseur, et $[g_3 g_2 g_1]$ les composantes du vecteur gradient g .

- Afin d'imposer la contrainte de positivité le polynôme homogène $F(g)$ d'ordre d en 3 variables, est paramétré par une somme de carrés de polynômes d'ordre $d/2$ (*Ternary quartics theorem* [15]) :

$$F(g) = \sum_{j=1}^M l_j p(g_1, g_2, g_3; c_j)^2 \quad 2.3$$

Avec l_j des pondérations réelles et positives ; c_j des vecteurs contenant les coefficients des polynômes.

- En remplaçant $F(g)$ dans l'équation 2.1, le signal S peut être approximé par \tilde{S} comme suit :

$$\tilde{S}(g_i, b_i) \approx \sum_{j=1}^M l_j \int_{S_2} p(v_1, v_2, v_3; c_j)^2 \Psi(g_i, b_i, v) dv \quad 2.4$$

- c_j est construit pour chaque vecteur (tenseur de rang 1) $v_j = [v_1, v_2, v_3]$ échantillonnant la sphère unitaire, et contient les coefficients de ces tenseurs. Les inconnues sont alors les pondérations l_j , pour retrouver les valeurs de l_j il suffit de minimiser la fonctionnelle suivante E :

$$E = \sum_{i=1}^L \left(\frac{S_i}{S_0} - \sum_{j=1}^M l_j \int_{S_2} p(v_1, v_2, v_3; c_j)^2 \Psi(g_i, b_i, v) dv \right)^2 \quad 2.5$$

avec $l_j \in \mathbb{R}^+$

Avec S normalisé.

Afin d'assurer la positivité des valeurs des l_j , le problème 2.5 est résolu en utilisant l'algorithme *Non Negative Least Squares* (NNLS)[15].

- Les N coefficients $C_{a,b,c}$ du tenseur FOD sont alors simplement calculés en multipliant la matrice C de taille $N \times M$ (avec $N = 15$ pour l'ordre 4) contenant les monômes formés par les vecteurs c_j , par le vecteur solution l de longueur M .

3 Décomposition de tenseurs symétriques : Approche numérique (PARAFAC)

Le problème de décomposition de tenseurs consiste en l'écriture d'un tenseur donné, en une somme de produits externes de tenseurs indécomposables (i. e de rang 1), avec le moins de termes possibles; le nombre de termes correspond au rang minimale du tenseur. Soit un tenseur symétrique T d'ordre d et de dimension n , la décomposition de ce tenseur s'écrit sous la forme suivante :

$$T = \sum_{r=1}^R V_r^1 \circ V_r^2 \circ \dots \circ V_r^d \quad 3.1$$

Avec R : le rang de T , ' \circ ' : le produit externe, et V_r : les tenseurs de rang 1 (Vecteurs).

Cependant, La détermination du rang d'un tenseur d'ordre supérieur est un problème mathématique complexe, *NP-complet*. Une approximation numérique de la décomposition (equ. 3.2) avec un rang $k < R$ a été alors proposée dans [4] ; cette méthode numérique de décomposition est connue sous le nom de CANDECOMP/PARAFAC (CP).

$$\tilde{T} \approx \sum_{r=1}^k \lambda_r (v_r^1 \circ v_r^2 \circ \dots \circ v_r^d) \text{ où } \|v_r\| = 1 \quad 3.2$$

Pour un tenseur symétrique $v_r^1 = v_r^2 = \dots = v_r^d$. La décomposition PARAFAC du tenseur T d'ordre d et de rang R (inconnu), revient à résoudre un problème non linéaire de minimisation (equ.3.3) en \tilde{T} par l'algorithme

d'optimisation *Alternating Least Squares* (ALS) [4], pour un rang donné $k < R$:

$$\min_{\tilde{T}} \|T - \tilde{T}\| \quad 3.3$$

Une application de la décomposition de tenseur PARAFAC à l'IRM de diffusion a été proposée par Jiao en 2011 [7] en considérant une approximation de la décomposition au rang 2, visant à extraire les directions de deux faisceaux de fibres qui se croisent, qui correspondent aux vecteurs de rang 1 obtenus par la décomposition. Même si la décomposition de tenseur s'avère plus efficace en termes de précision et de résolution angulaire que les méthodes traditionnelles [9], l'approche PARAFAC est incapable de garantir la récupération des directions de la totalité des fibres sous-jacentes, car le rang réel du tenseur, correspondant au nombre de faisceaux de fibres, n'est pas connu a priori. De plus, les différents tests que nous avons réalisés sur la méthode PARAFAC ont permis de confirmer que la convergence de l'algorithme ALS n'est pas garantie et dépend des tenseurs de rang 1 d'initialisations. J. Brachat et al. ont proposé une approche analytique [3] permettant de décomposer des tenseurs symétriques d'ordre supérieur au rang minimale. Cette approche paraît intéressante du fait qu'à l'inverse de PARAFAC, elle permet d'avoir le rang du tenseur de manière itérative sans a priori. Par conséquent, l'application efficace de cette approche aux données de diffusion permettrait de rendre à la fois, les directions de la totalité des fibres sous-jacentes ainsi que leur nombre.

4 Décomposition de tenseur : Approche analytique

Récemment J. Brachat et al. [3] ont proposé une manière analytique d'aborder le problème de décomposition de tenseur symétrique d'ordre supérieure souvent résolue par des méthodes numériques sous optimales telle que PARAFAC. Dans leurs travaux ils ont proposé une généralisation du théorème de Sylvester [3] (cas binaires), et l'étendent à de plus grandes dimensions. L'algorithme est alors capable de décomposer un tenseur symétrique d'ordre d et de dimension quelconques, en une somme **minimale** de termes de rang un. Considérons un tenseur symétrique d'ordre d et de dimension n sous la forme polynomiale suivante :

$$f(x) = \sum_{j_0+j_1+\dots+j_n=d} C_{j_0,j_1,\dots,j_n} x_0^{j_0} x_1^{j_1} \dots x_n^{j_n} \quad 4.1$$

Avec $f(x) \in \mathbb{R}_d$ polynôme homogène de degré d .

Une décomposition affine de f consiste à écrire f comme une somme de puissances d'ordre d de formes linéaires de rang 1 comme suit [3]:

$$f(x) = \sum_{i=1}^r \lambda_i K_i(X)^d \quad 4.2$$

$$f(x) = \lambda_1 K_1(X)^d + \lambda_2 K_2(X)^d + \dots + \lambda_r K_r(X)^d$$

Avec λ_i des scalaires, K_i des formes linéaires de rang un en $X=[x_0 \ x_1 \ \dots \ x_n]$ et aux coefficients $(k_{i,0} \ \dots \ k_{i,n})$, et r minimale le rang de f (i.e du tenseur)[3] :

$$K_i = k_{i,0} x_0 + k_{i,1} x_1 + \dots + k_{i,n} x_n$$

$k_{i,0} \neq 0$ pour tout $1 \leq i \leq r$.

Une décomposition affine de f existe si et seulement si une décomposition affine de \underline{f}^* (dé-homogénéisation de f dans l'espace dual R_d^*) existe, décomposer f revient alors à décomposer \underline{f}^* ; f^* est la forme linéaire associée à f dans l'espace dual R_d^* , les coefficients C^* de f^* sont alors calculés à partir des coefficients C de f comme suit : $C_{j_0, j_1, \dots, j_n}^* = \frac{j_0! j_1! \dots j_n!}{d!} \times C_{j_0, j_1, \dots, j_n}$.

\underline{f}^* est obtenue en dé-homogénéisant f^* par rapport à la variable x_0 , ceci consiste à diviser chaque monôme du polynôme homogène f^* par une puissance appropriée de x_0 , \underline{f}^* est alors un polynôme non homogène de degré d sur R_d^* .

Les conditions nécessaires et suffisantes d'existence de la décomposition sont basées sur des conditions de rang de la matrice de Hankel et des propriétés de commutation. La matrice de Hankel est une matrice de taille $N \times N$ avec $N = \frac{(n+(d-1))!}{d!(n-1)!}$ correspondant au nombre de coefficients uniques d'un tenseur symétrique d'ordre d et de dimension n , les éléments de cette matrice sont calculés de la façon suivante :

$$\begin{cases} H(l, m) = C_{0, j_1, \dots, j_n}^* & \text{si } j_1 + \dots + j_n \leq d \\ H(l, m) = h_{l, m}(\text{inconnus}) & \text{si non} \end{cases}$$

En calculant à partir de la matrice de Hankel les matrices de multiplication M_i (voir algorithme 2) $i=1, \dots, r$ pour un rang r donné, et en résolvant le problème de valeurs propres généralisées nous obtenons les points k_i , et par une simple résolution d'un système linéaire nous déduisons les scalaires λ_i . Nous proposons ci-dessous une description détaillée de l'algorithme de décomposition analytique.

Algorithme 2 :

Entrée : Un polynôme homogène $f(x_0, x_1, \dots, x_n)$ de degré d .

Sortie : $f(x_0, x_1, \dots, x_n) = \sum_{i=1}^R \lambda_i K_i(X)^d$ avec R minimal.

-Calculer les coefficients de $\underline{f}^* \in R_d^*$ à partir de ceux de $f \in R_d$.

-Construire la matrice H ($N \times N$) de Hankel à partir de \underline{f}^*

Si tous les mineurs (2×2) de H sont nuls **Alors**

$R=1$ (rang du tenseur).

Si non $r=2$

Répéter

1. -Calculer à partir de H une sous-matrice carrée Δ de dimension $(r \times r)$ correspondante à un ensemble B de monômes de degré $\leq d$ connexe à 1 de taille $|B|=r$. et son extension Δ^+ de dimension $(r+1 \times r+1)$ correspondant à la base des monômes B^+ extension de B de taille $|B^+|=r+1$.

-Calculer les matrices Δ_{xi} correspondant à la base des monômes B multipliée par x_i pour $i=1, \dots, n$.

-Calculer les matrices de multiplication

$$M_i = \Delta_{xi}(\Delta)^{-1}$$

2. Déterminer le rang minimale de f :

Si Δ et Δ^+ sont complètement définis **Alors**

Calculer le rang R_Δ de Δ et R_{Δ^+} de Δ^+

Si $R_\Delta = R_{\Delta^+}$ **Alors** $R = R_\Delta$; stabilité du rang

Si non $r=r+1$; Refaire étape 1.

Fin si

Si non

Trouver des paramètres h tels que $\det(\Delta) \neq 0$ et les matrices M_i commutent.

Si les solutions h existent **Alors**

Substituer les h par leurs valeurs dans Δ et Δ^+
Refaire étape 2.

Si non $r=r+1$; Refaire étape 1.

Fin si

Fin si.

Fin si

Jusqu'à ce que : Les valeurs propres de $\sum_{i=1}^n a_i M_i$ soient simples avec a_i pris arbitrairement sur R .

3. Calculer les $n \times R$ valeurs propres $k_{i,j}$ des vecteurs propres v_i en commun des matrices de multiplication M_i tels que $M_i v_j = k_{i,j} v_j$, $i = 1, \dots, n$, $j = 1, \dots, R$.

4. Résoudre alors le système linéaire en $(\lambda_j)_{j=1, \dots, R}$:

$$f(x_0, x_1, \dots, x_n) = \sum_{j=1}^R \lambda_j (k_{0,j} x_0 + \dots + k_{n,j} x_n)^d$$

où k_j sont les valeurs propres trouvées à l'étape 3.

5 Détection des croisements de fibres par décomposition analytique

Nous proposons dans cet article de retrouver les directions des faisceaux de fibres à partir des données IRMd en utilisant une décomposition analytique du tenseur FOD d'ordre 4 dont les maxima s'alignent sur les directions des fibres. Les coefficients de la FOD sont estimés à partir des données de diffusion tel que décrit dans la section 2. Nous cherchons donc à décomposer la FOD sous la forme $f(g) = \sum_{i=1}^r \lambda_i K_i(g)^4$ avec r minimal, le rang du tenseur, K_i sont des formes linéaires de rang 1 aux coefficients réels $[k_{i,0}, k_{i,1}, k_{i,3}]$ normalisés et λ_i des pondérations positives et réelles. Les vecteurs de coefficient des K_i représentent les directions des fibres pondérées par le scalaire λ_i , et r le nombre de faisceaux de fibre qui se croisent. Cependant, une décomposition analytique de la FOD fournirait un rang analytique minimal avec aucune contrainte sur les valeurs des λ_i et des K_i ; théoriquement, cela est correcte mais, compte tenu de notre problématique qu'est la recherche des directions des fibres, avoir des λ_i négatives ou des directions complexes serait aberrant; pour résoudre ce problème, nous proposons d'ignorer les K_i à coefficients complexes, trouvés à l'étape 3 de l'algorithme 2 et de résoudre le système linéaire suivant en λ_i avec uniquement les K_i à coefficients réels:

$$f(g) \approx \sum_{i=1}^{r'} \lambda_i K_i(g)^4 \quad 5.1$$

avec $r' \leq r$ le rang du tenseur et $K_i \in R_4$.

Ce système peut être écrit sous la forme matricielle $B = WA$, avec W un vecteur de taille $(1 \times r')$ contenant les λ_i et A une matrice de taille $(r' \times 15)$ contenant les coefficients des polynômes $K_i(g)^4$ de rang 1 d'ordre 4, et B un vecteur de taille (1×15) contenant les coefficients de la fonction d'orientation de fibre $f(g)$ d'ordre 4.

Afin d'imposer la contrainte de positivité sur les pondérations λ_i , nous proposons de résoudre le problème de minimisation 5.2 par l'algorithme NNLS

$$\min_w \|B - WA\|^2 \quad 5.2$$

D'autre part, afin de tenir compte de l'effet du bruit dû aux données de diffusion nous avons introduit un filtrage, qui consiste à éliminer les fibres dont la pondération $\lambda_i \leq 0.1 \lambda_{\max}$ et à fusionner les fibres séparées par un angle $\alpha \leq 15^\circ$ [6].

6 Tests de validation

Afin de valider la méthode de détection des croisements de fibres par décomposition analytique de tenseur d'ordre 4, nous l'avons dans un premier temps évaluée sur des jeux de données de diffusion synthétiques construits à partir du modèle multi-tenseur, avec 60 directions de gradient et un b-value égale à 3000 s/mm², simulant un croisement de fibres à des angles allant de 90° à 0°, sur lesquels nous avons mené une comparaison avec l'approche PARAFAC. Ces données ont été ensuite corrompues par un bruit Ricien avec un snr de 40 et 30, 100 expériences de bruit ont été exécutées pour chaque angle de séparation. Enfin, la méthode a été évaluée sur un ensemble de données de diffusion réelles. Avant de procéder à l'étape d'extraction des maxima, il est nécessaire d'estimer, à partir des données brutes de diffusion synthétiques ou réelles, le tenseur d'ordre 4 CT-FOD dont les maxima s'alignent sur les directions des fibres sous-jacentes.

6.1 Données de diffusion synthétiques :

Les résultats obtenus par la décomposition analytique sur un jeu de données synthétiques sont représentés sur

les figures I. (a-b). La courbe en fig I.a représente l'erreur moyenne en degré entre les directions retrouvées par la décomposition analytique du tenseur et les directions simulées, en fonction des angles de croisement ; la courbe d'erreur montre clairement que la méthode analytique est capable de retrouver les directions et le nombre de fibres avec une résolution angulaire de 30°, et jusqu'à un angle de séparation de 36° l'erreur entre les directions simulée et celles retrouvées est inférieure à 4°.

Effet du bruit : Les figures I(c-f) illustrent le résultat obtenu sur données bruitées : pour un SNR de 40 l'approche analytique atteint une résolution angulaire entre [30°, 36°], et jusqu'à un angle de croisement de 42° la moyenne de l'erreur moyenne est inférieure à 9° (fig I. c). Pour un SNR de 30 la résolution angulaire est entre [36°, 42°] avec une moyenne de l'erreur moyenne inférieure à 10° pour un angle de séparation de 48° (fig I. e). Les résultats obtenus montrent la robustesse de la méthode au bruit, même dans le cas d'un SNR de 30 la méthode atteint une bien meilleure résolution angulaire que les méthodes traditionnelles qui ne permettent pas de récupérer les directions de fibres qui se croisent à des angles inférieurs à 60°.

Comparaison avec PARAFAC : Nous avons mené sur le même jeu de données synthétiques des tests avec cette fois-ci l'approche PARAFAC. Pour décomposer le tenseur CT-FOD, nous avons dû fixer le rang de la décomposition à 2, autrement dit, nous supposons connu le nombre de fibres dans le voxel.

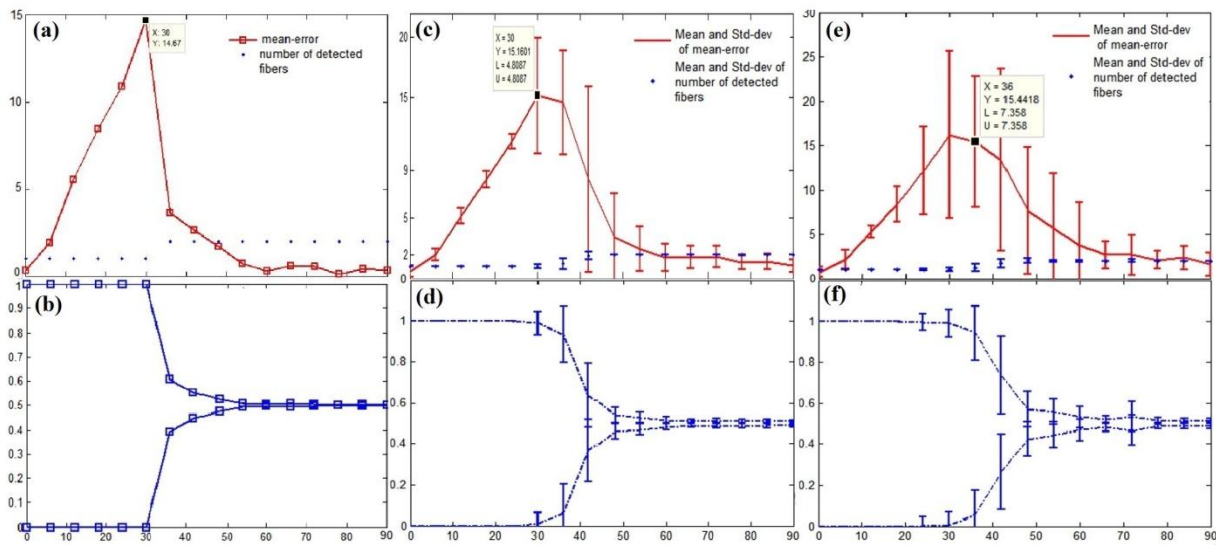


Fig. I : Données synthétiques bruitées, (a-b) SNR 0, (c-d) SNR 40, (e-f) SNR 30, ligne supérieure : rouge : les courbes de la moyenne de l'erreur moyenne en degré, points bleus : moyenne du nombre de fibres détectées, ligne inférieure : les courbes des moyennes des pondérations λ . En abscisse de (a -f) : les angles de croisement en degré (90° à 0°).

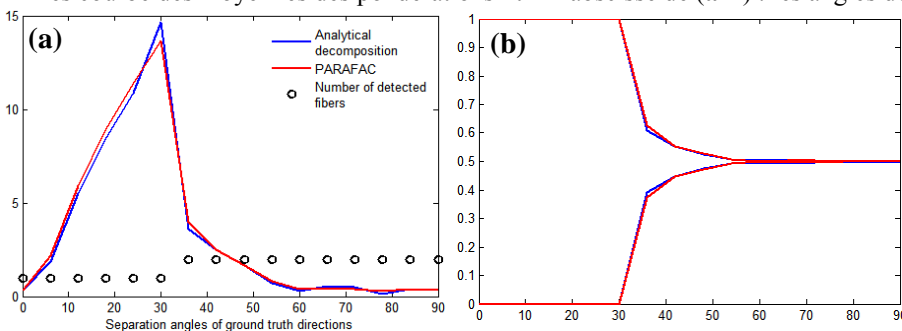


Fig.II: a : l'erreur moyenne commise en degré. b : les pondérations λ . En rouge : l'approche PARAFAC. En bleu : l'approche analytique, En cercles noirs : le nombre de fibres détectées par l'approche analytique. En abscisse de a-b : les angles de séparation.

Afin d'assurer la convergence de l'algorithme ALS nous l'avons initialisé par les vecteurs propres de chacun des modes du tenseurs d'ordre 4. Toutefois, ceci n'est possible que pour une décomposition avec un rang inférieur ou égal à 3, au-delà il faudra initialiser avec plus de 3 vecteurs alors que le tenseur de dimension 3 ne contient que 3 modes, l'initialisation sera donc aléatoire ce qui n'assure pas la convergence de l'algorithme. Les résultats obtenus par PARAFAC sont résumés dans le graphique en figure II, sur lesquels nous avons aussi superposé les résultats obtenus par l'approche analytique ; rappelons que, pour l'approche analytique il n'est pas nécessaire de prédéfinir le nombre de fibres dans le voxel. Les résultats obtenus montrent que les deux approches, si on suppose connaître le nombre de fibres apriori, se valent en termes de résolution angulaire et de précision. Néanmoins, PARAFAC reste limitée par la nécessité de prédéfinir le rang de la décomposition, et par le problème de convergence de l'algorithme ALS. L'approche que nous proposons résout efficacement ces problèmes tout en gardant les mêmes performances en termes de résolution angulaire et de précision ; effectivement, étant analytique elle ne souffre pas des limites des approches numériques, et, étant une décomposition au rang minimal, elle ne requiert pas la connaissance apriori du nombre de fibres.

6.2 Données réelles de diffusion

Nous avons mené des tests sur des données de diffusion réelles obtenu du site de l'université de Stanford* [12], acquis à 160 directions de gradient avec un b-valeur de 2000s/mm², l'épaisseur de coupe est de 2mm. Sur une coupe coronale (fig.III) la méthode arrive parfaitement à extraire le corps calleux (CC), le tractus cortico-spinal (CST), le Cingulum (CG) ainsi que le faisceau longitudinal supérieur (SLF) en reconstruisant les zones de croisement les plus aigües.

7 Conclusion

Dans cet article, nous avons proposé d'employer une méthode originale pour retrouver les directions des fibres à partir des données de diffusion par décomposition de tenseur. Jusque-là, l'approche

PARAFAC seule constituait l'état de l'art de la décomposition de tenseur dans le contexte de l'IRMd. Malgré le fait que PARAFAC présente une meilleure résolution et précision angulaire que les méthodes traditionnelles de localisation des maxima, cette approche souffre toutefois de deux problèmes majeurs qui sont : l'incapacité à garantir la convergence de l'algorithme et aussi la connaissance à priori du nombre de fibres. Afin de surmonter les limites non négligeables posées par l'approche PARAFAC nous proposons de résoudre le problème de décomposition de manière analytique, cette approche présente deux avantages importants : elle permet de rendre une décomposition minimale sans apriori sur le rang, mais aussi, étant analytique elle ne souffre pas des problèmes liés aux méthodes numériques. L'utilisation directe de l'algorithme de décomposition tel qu'il a été proposé en [3], sur des données de diffusion fournirait des résultats erronés de par le fait que théoriquement il n'y a pas de contraintes tenant compte de la réalité physique de la diffusion, pour cela, nous avons proposé dans ce travail d'adapter cet algorithme aux données de diffusion en imposant une décomposition réelles et une contrainte de positivité par l'utilisation de l'algorithme NNLS. Différent tests de validation ont été effectués ; d'une part, sur des données synthétiques bruitées où notre approche s'est avérée très efficace en termes de résolution et précision angulaire et ce sans la nécessité de connaître a priori le rang du tenseur comme requis par la méthode PARAFAC. D'autre part, sur des données réelles où là encore, notre approche arrive à reconstruire correctement les directions des faisceaux de fibres notamment dans les zones où se croisent plusieurs faisceaux de fibres.

Remerciements :

Ce travail a été effectué dans le cadre du programme STIC-Algérie, financé par l'Inria en France et la DGRSDT pour l'USTHB en Algérie. Nous remercions toutes ces institutions pour leur appui et leur soutien financier. Nous tenons aussi à remercier Bernard Mourrain (Inria, Galaad) et Aurobrata Ghosh (Inria, Athena).

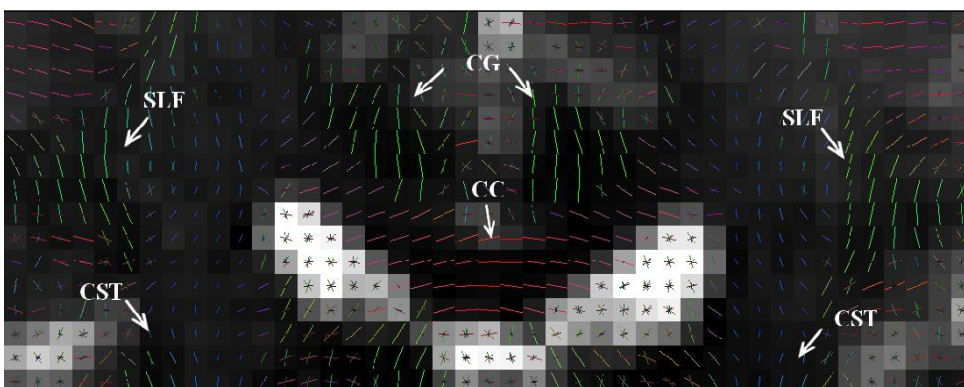


Fig. III: Ensemble de données de diffusion réelles montrant les faisceaux : Corps calleux (CC), longitudinale supérieur (SLF) le Cingulum (CG) et le tractus cortico-spinal (CST).

*<http://purl.stanford.edu/yx282xq2090>

Bibliographie

- [1] P. Basser, J. Mattiello, D. Le Bihan, Estimation of the effective self-Diffusion tensor from the NMR spin echo, *Journal of Magnetic Resonance* Vol. 103, pp. 247-254, 1994.
- [2] L. Bloy, R. Verma. On computing the underlying fiber directions from the diffusion orientation distribution function, In *MICCAI'08, LNCS* Vol. 5241, pp. 1–8, 2008.
- [3] J. Brachat, P. Comon, B. Mourrain et al., Symmetric tensor decomposition, *Linear Algebra and its Applications*, vol 433, pp. 1851–1872, 2010.
- [4] R. Bro, PARAFAC. Tutorial and applications. *Elsevier BV, Chemometrics and Intelligent Laboratory Systems*, Vol. 38, pp. 149-171, 1997.
- [5] M. Descoteaux, E. Angelino, S. Fitzgibbons, R. Deriche, Regularized, fast, and robust analytical q-ball imaging, *Magnetic Resonance in Medicine*, Vol. 58(2), pp. 497–510, 2007.
- [6] A. Ghosh, T. Megherbi, F. Oulebsir Boumghar. R. Deriche, Fiber Orientation Distribution from Non-Negative Sparse Recovery, *International Symposium on Biomedical Imaging: From Nano to Macro*, 2013.
- [7] F. Jiao, Y. Gur, CR. Johnson et al., Detection of Crossing White Matter Fibers with High-Order Tensors and Rank-k Decompositions, in *IPMI*, vol. 6801 of LNCS, pp. 538–549. 2011.
- [8] D. Le Bihan, et E. Breton. Imagerie de diffusion in-vivo par résonance magnétique nucléaire, *Comptes-Rendus de l'Académie des Sciences* 93.5, pp. 27–34, 1985.
- [9] T. Megherbi, A. Ghosh, F. Oulebsir Boumghar. R. Deriche, Détection des croisements de fibres en IRM de diffusion. *The third international conference on image and signal processing and their applications*, (ISPA'2012, Mostaganem, Algeria).
- [10] E. Ozarslan, B.C. Vemuri, T.H. Mareci, Generalized scalar measures for diffusion mri using trace, variance, and entropy, *Magnetic Resonance in Medicine*. Vol. 53 n°4, pp. 866-76, 2005.
- [11] L. Qi, Eigenvalues of a real supersymmetric tensor, *J. Symbolic Computation*, Vol. 40 pp. 1302-1324. 2005.
- [12] Rokem, Ariel et al. High angular resolution diffusion MRI. *Stanford Digital Repository*, 2013.
- [13] JD. Tournier, F. Calamante, A. Connelly, Robust determination of the fiber orientation distribution in diffusion MRI: Non-negativity constrained super-resolved spherical deconvolution, *NI*, vol. 35, no. 4, pp. 1459–1472. 2007.
- [14] DS. Tuch, Q-ball imaging. *Magnetic Resonance in Medicine*, Vol. 52, n°6, pp. 1358-1372, 2004.
- [15] TY. Weldeselasie, A. Barmpoutis, MS. Atkins. Symmetric positive semi-definite Cartesian Tensor fiber orientation distributions (CT-FOD), *Elsevier BV, Medical Image Analysis Journal*, Vol. 16, n°6, Pages 1121–1129, 2012.